

*Taula*  

---

(UIB) núm. 9 Juny 1988

## ESCUELAS ACTUALES DE TAXONOMÍA BIOLÓGICA

Andreu Berga

### 0. INTRODUCCIÓN

Desde, aproximadamente, finales de los años cincuenta hasta la actualidad, el campo de la taxonomía biológica ha experimentado un gran revuelo. El motivo ha sido la aparición de dos escuelas taxonómicas que han puesto en tela de juicio el modelo establecido en la materia: la llamada escuela evolutiva. Primero fue la escuela fenética (cuyo *boom* tuvo lugar en los años sesenta); después, la escuela cladística (siendo los años setentas para ella lo que los años sesenta para la escuela anterior). Hoy asistimos al desarrollo del cladismo "transformado".

En lo que sigue pretendo llevar a cabo, desde una perspectiva global, un análisis crítico de los principios fundamentales de las citadas tres escuelas taxonómicas.

### 1. ESCUELAS ACTUALES DE TAXONOMÍA BIOLÓGICA

Los principios taxonómicos se "encarnan" en las clasificaciones. Puede ser, pues, una buena forma de acercarse a esos principios ver cómo,

dada la hipotética filogenia que representa la figura 1-1, clasifican las especies los taxónomos de las distintas escuelas.

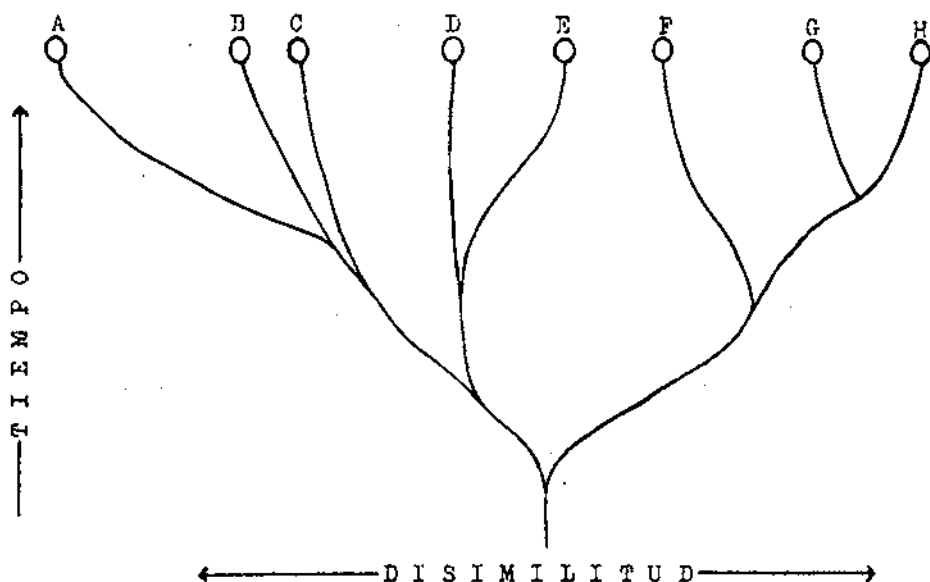


Figura 1-1. Los círculos representan especies actuales.

### 1.1. Escuela evolutiva

Los representantes principales de esta escuela son Simpson (1961) y Mayr (1969). El núcleo conceptual de la misma es el siguiente: una clasificación debe reflejar tanto la *afinidad cladística* como la *afinidad patristica*. En otras palabras: a la hora de hacer una clasificación, se ha de tener en cuenta tanto la afinidad que se produce, pura y simplemente, como consecuencia del hecho de que las líneas filéticas proceden de un antepasado común (y tienen, por tanto, una base estrictamente genealógica) como la que depende de los cambios evolutivos que hayan podido experimentar tales líneas filéticas desde que se separaron de dicho antepasado (y surge, por consiguiente, con independencia de la pauta de

ramificación). Combinando ambos criterios, el taxónomo evolutivo agrupará las especies representadas en la figura 1-1 de la manera que sigue:

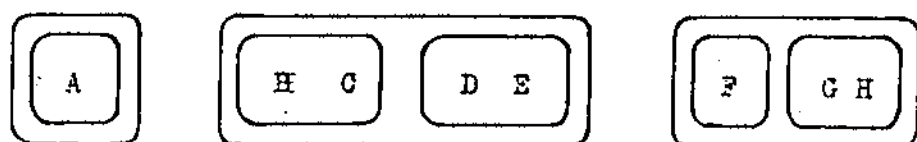


Figura 1-2

La forma concreta en que se combina el criterio de la afinidad cladística con el de la afinidad patristica no obedece a unas normas objetivamente prefijadas, sino a las decisiones, en última instancia más o menos arbitrarias, del taxónomo. Ello ha sido objeto de duras críticas y ha propiciado, en definitiva, la aparición de las alternativas taxonómicas actuales. Discutiremos más adelante su pretensión de haber resuelto el problema de la subjetividad que se plantea a los evolucionistas.

El taxónomo evolutivo admite, en consecuencia, una clasificación por clados y una clasificación por grados. El concepto de grado tiene una larga historia (vid. Mayr, 1982), pero fue J. Huxley (1958) quien precisó claramente la diferencia entre ambos tipos de clasificación. El taxón grado es aquel grupo taxonómico que reúne organismos con un similar nivel general de organización. Para ser aceptables los taxones grado deben satisfacer, cuando menos, el criterio filogenético de la monofilia mínima. El concepto de monofilia ha sido, sin duda, uno de los más debatidos por los taxónomos. Se distingue hoy entre monofilia estricta y

monofilia mínima. Se entiende por monofilia estricta la descendencia a partir de una única especie inmediatamente ancestral; por monofilia mínima, en palabras de Simpson (1961, p. 124), "la derivación de un taxón a través de uno o más linajes a partir de un taxón inmediatamente ancestral del mismo o inferior rango". Pues bien, los taxónomos evolutivos han adoptado como básico este último concepto de monofilia, y así no dudan en considerar como válida la clase *Mammalia*, ya que sus linajes proceden de especies que se incluyen en el orden *Therapsida*, clase *Reptilia*.

Otro punto que no puede faltar en una exposición, por breve que sea, de la taxonomía evolutiva es el de la ponderación de los caracteres. Los taxónomos evolutivos subrayan la importancia de la ponderación *a posteriori* de los caracteres: el propio desarrollo filogenético de los organismos comporta que ciertos caracteres sean más informativos que otros acerca del pasado de sus poseedores. El procedimiento de ponderación consta de dos fases: 1ª) utilizando tantos caracteres como es posible, se disponen los organismos en grupos manifiestamente naturales (esto es, grupos cuyos miembros presentan gran semejanza global), y 2ª) aquellos caracteres que se encuentran correlacionados con los grupos más homogéneos, más naturales reciben la valoración más alta. En la ponderación *a posteriori* no cabe hablar de caracteres que determinan inequívocamente un cierto rango. Por ello la asignación de rango a los taxones es siempre una tarea más o menos arbitraria.

Para finalizar: ¿cómo ve el taxónomo evolutivo su propio sistema de clasificación? En la autorizada y representativa opinión de Mayr (1969), una clasificación es, ante todo, una teoría científica y como tal tendrá capacidad explicativa, capacidad predictiva, capacidad heurística y, en fin, será provisional (= corregible). Sin duda, la característica fundamental es la primera: a ella remiten, en definitiva, las restantes.

Dicha capacidad explicativa viene dada en términos de la consistencia de la clasificación con la filogenia del grupo en cuestión, como garantía de que los miembros del grupo van a tener en común el programa genético. Pero una clasificación es algo más que una teoría científica, para Mayr: es también un sistema de almacenaje y recuperación de información. En ello está la razón de que todo proceso clasificatorio tenga, al decir de Simpson (1961), una vertiente "artística" y de que, en consecuencia, la última palabra sea la del taxónomo.

## 1.2. Escuela cladística

El principal representante de esta escuela es Hennig (1966). El núcleo conceptual de la misma es simple: las clasificaciones deben reflejar únicamente la afinidad cladística. Dicho en otras palabras: un taxón formará grupo con otro según la proximidad del antepasado común. A tenor de este criterio, el cladista agrupará las especies representadas en la figura 1-1 de este modo:

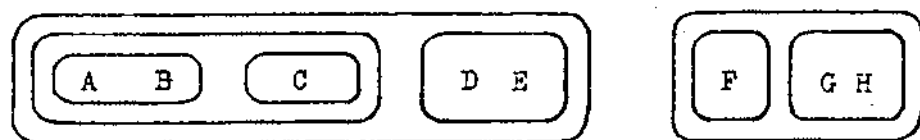


Figura 1-3

La razón de la postura de los cladistas es que, según éstos, sólo la pauta de ramificación de los linajes se puede establecer con objetividad.

Una taxonomía que pretenda ser científica deberá, pues, basarse en el registro de dicha pauta y sólo en él.

Lo primero que tiene que hacer el cladista es establecer la ordenación serial de los caracteres taxonómicos. Se trata de averiguar qué caracteres (o estados de caracteres) son primitivos (plesiomorfos) y qué caracteres (o estados de caracteres) son derivados (apomorfos). Los cladistas han presentado una serie de criterios para distinguir entre uno y otro tipo de caracteres. Son criterios de desigual valor, pero bien vale la pena reseñarlos aquí.

El primero de ellos, como cabe suponer, es el de la anterioridad paleontológica. Los propios cladistas no confían, sin embargo, demasiado en él, por cuanto el supuesto, en el que se basa, de que antigüedad y plesiomorfia están correlacionadas frecuentemente no se ajusta a la realidad.

Un segundo criterio es el de la anterioridad ontogenética. La base del mismo es la conocida ley biogenética fundamental de Haeckel. Aunque se sabe hoy que esta ley tiene múltiples excepciones, los cladistas piensan que, críticamente valorado, dicho criterio representa una importante ayuda.

Un criterio particularmente apreciado por Hennig es el siguiente: si se conoce la dirección evolutiva de una serie de transformación de un carácter (serie que recibe el nombre de morfocline), se puede determinar el componente plesiomorfo de otra serie de transformación, esto es, de otra morfocline establecida en las mismas unidades taxonómicas. Criterio no exento, por descontado, de supuestos, ha sido especialmente criticado por los fenetistas.

Otros criterios apuntados por los cladistas son el de la correlación entre los caracteres de los huéspedes y los de sus parásitos, y el de la distribución geográfica de los organismos.

La concordancia de caracteres apomorfos (similitud derivada o sinapomorfia) permite apreciar el grado de proximidad filética entre los taxones. Se determinan así los puntos de ramificación en la filogenia. La ramificación es concebida como un proceso dicotómico: la especie ancestral se divide (especiación) en dos especies hermanas; se considera que dicha especie ancestral se extingue al dividirse. Los grupos de especies surgidos de semejante proceso dicotómico son grupos hermanos y han de tener el mismo rango. Obviamente, sólo cabe hablar de grupos hermanos en el contexto de taxones monofiléticos.

Los cladistas defienden un concepto restrictivo de monofilia estricta. La restricción está en el hecho de que se exige que el taxón monofilético incluya todas las especies que descienden de la especie ancestral. Examinando la clasificación de la figura 1-2, se observa que el grupo BCDE no cumple, precisamente, tal exigencia. En este caso tendríamos un ejemplo de, en la terminología de los cladistas, parafilia. A Ashlock (1971) se debe el término que los taxónomos evolutivos prefieren utilizar para referirse al concepto restrictivo de monofilia estricta; ese término es holofilia.

Por último, en lo que respeta a la determinación del rango de los taxones, los cladistas también quieren, por supuesto, un método objetivo y que se ajuste por completo a la estructura de su sistema. Según Hennig, la asignación de rango (absoluto) a un taxón debe depender exclusivamente del momento en que se produjo la ramificación que le dio origen. Ni que decir tiene que la propuesta ha sido objeto de duras críticas.

### 1.3. Escuela fenética

Los principales representantes de esta escuela son Sneath y Sokal (1973). El núcleo conceptual de la misma es como sigue: Los grupos o taxones deben basarse en la semejanza global entre las entidades a clasificar según se desprende ésta del examen de una multiplicidad de caracteres valorados todos ellos por igual, sin que intervengan para nada en la delimitación de los grupos consideraciones de índole filogenética. Con arreglo a este criterio, el fenetista agrupará las especies que aparecen representadas en la figura 1-1 de la manera siguiente:



Figura 1-4

Los fenetistas consideran que los taxones basados en la semejanza global (aunque sean polifiléticos, como el taxón DEF de la figura) tienen un mayor significado biológico y, consecuentemente, un poder predictivo superior. Son neutros respecto de intereses biológicos particulares. Las clasificaciones evolutivas y cladísticas carecen, precisamente, piensan los taxónomos fenéticos, de esa neutralidad, por lo que son menos significativas, menos predictivas y, en fin, menos naturales.

El concepto de clasificación natural que los fenetistas propugnan está, ciertamente, a la base de su rechazo de la ponderación de los



caracteres: la idea misma de ponderación contradice la idea de clasificación de propósito general, esto es, la idea de clasificación natural. Pero es que, además, la idea de ponderación es rechazable, piensan los fenetistas, porque no constituye una idea operacional.

La adopción del método operacional en taxonomía es la solución que proponen los fenetistas al problema de la subjetividad. Esos taxónomos hacen suya la tesis de Bridgman (1927; pag. 5; el subrayado es del autor) de que *un concepto cualquiera no es más que un conjunto de operaciones*; el concepto es sinónimo del correspondiente conjunto de operaciones". Pues bien, la estricta separación entre clasificación y consideraciones filogenéticas que los fenetistas defienden obedece, ante todo, al hecho de que no existe un método operacional que permita tratar simultáneamente la afinidad patrística y la afinidad cladística (contra los evolucionistas) o reconocer cuando menos esta última de una manera inequívoca (contra los cladistas). Por lo demás, los fenetistas estiman que únicamente la evidencia fenética puede ser utilizada para establecer clasificaciones satisfactorias dado que 1) el registro fósil normalmente es muy fragmentario y las relaciones filogenéticas se han de inferir a partir de las relaciones fenéticas que se dan entre los organismos actualmente existentes; 2) todos los grupos admiten una clasificación fenética, mientras que las clasificaciones filogenéticas dependen de inferencias históricas sobre la dirección de la evolución en el grupo de que se trate; 3) incluso en el caso de que haya considerable evidencia fósil, ésta se ha de interpretar ante todo fenéticamente, ya que fenéticos son los criterios que permiten determinar las formas ancestrales en una filogenia, y 4) desde el punto de vista de la biología en general, tiene más interés, insistirán los fenetistas, una clasificación que se base en la semejanza global de los organismos que una que pretenda reflejar las relaciones filogenéticas existentes entre ellos.

Para concluir examinemos brevemente la técnica de clasificación de los fenetistas.

El punto de partida en toda clasificación fenética está constituido por las *unidades taxonómicas operacionales* (UTOs). Estas son las entidades a clasificar, que, según los casos, podrán ser individuos en sentido estricto, individuos representativos de especies, géneros, familias o, en fin, abstracciones estadísticas de los taxones de orden más elevado.

El paso siguiente consiste en reconocer las unidades básicas de información, es decir, los *caracteres unitarios*. La elección de caracteres no es tarea fácil y representa un punto tan crítico en la taxonomía fenética (así lo entienden los propios seguidores de la escuela) como en las taxonomías rivales.

A fin de estimar la semejanza entre pares de UTOs, éstos y los caracteres unitarios se disponen en una *matriz de datos*. La cuantificación de la semejanza viene dada por un *coeficiente de similitud* (o disimilitud). Hay diversos coeficientes de ese tipo, pero no existe un criterio absoluto para decidir cuál de ellos es *el* adecuado.

Una vez que se ha calculado para todos los pares de UTOs el coeficiente de similitud, el resultado se recoge en una *matriz de semejanza*. Se está entonces de condiciones de averiguar la estructura taxonómica que presentan las UTOs. Para ello se recurre a métodos numéricos de agrupación más conocidos como *técnicas de análisis cluster*. Tampoco aquí hay acuerdo general sobre cuál es *el* método idóneo.

Los resultados de una clasificación fenética se representan mediante un *fenograma*. En un fenograma se puede considerar que un cierto nivel define una determinada categoría. Se consigue así un *método automático de asignación del rango taxonómico* que, como cabe suponer, ha suscitado polémica.

## 1.4. Críticas y evaluación

Vamos a distinguir dos apartados: críticas metodológicas y críticas conceptuales.

### Críticas metodológicas

Como ya sabemos, el punto de ataque preferido de cladistas y fenetistas en el frente de la escuela evolutiva es la (supuesta) incapacidad de ésta para formular un método de clasificación objetivo y repetible. Pero, ¿es la taxonomía evolutiva tan "subjetiva" como pretenden sus oponentes? ¿Tienen, realmente, las alternativas cladística y fenética la objetividad de la que tanto blasonan sus defensores?

Por supuesto, las críticas de cladistas y fenetistas no se han levantado en el vacío. El deseo de acomodar en la clasificación no sólo taxones clado, sino también taxones grado no deja de plantear dificultades. En la taxonomía evolutiva hay cabida para *splitters* (taxónomos que consideran que incluso diferencias relativamente menores justifican el reconocimiento de nuevos géneros, familias, etc.) y *lumpers* (taxónomos que prefieren taxones más bien grandes por estimar que expresan mejor las relaciones existentes), con clasificaciones distintas, pero consistentes por igual con la filogenia. Y, en fin, el concepto de monofilia mínima da la impresión de ser sospechosamente *ad hoc*. Todo ello es verdad. Pero no menos cierto es que el evolucionista puede replicar con argumentos de similar contundencia. Así, podrá objetar a los cladistas, en primer lugar, que la determinación de las sinapomorfias no cuenta con un método infalible de decisión. Dependerá del buen criterio del taxónomo la resolución del problema de si se trata de

una sinapomorfia espuria (basada en caracteres derivados del antepasado común más próximo) o, por el contrario, de una sinapomorfia espuria (basada en caracteres adquiridos por convergencia). La misma determinación de la polaridad del cambio evolutivo, esto es, la determinación de los caracteres o estados de caracteres plesiomorfos y apomorfos no tiene mejor suerte en cuanto a un procedimiento decisorio. Aquí, por cierto, los fenetistas (vid. Sneath y Sokal, 1973), mal que les pese, han venido en ayuda de los evolucionistas, al destacar las diversas ordenaciones posibles de estados de caracteres en cladogramas igualmente parsimoniosos, aunque distintos, lo cual significa que la elección entre ellos no está garantizada. Además, la construcción de cladogramas comprende, subrayarán evolucionistas, dos supuestos arbitrarios: 1) la especie ancestral deja de existir cuando se originan las especies hijas; 2) todo proceso de ramificación es dicotómico. El primer supuesto no encuentra apoyo en el modelo hoy día comúnmente aceptado de especiación mediante poblaciones aisladas. La crítica del segundo supuesto no es tan concluyente. Después de todo, los cladistas puedan sostener que se trata de un principio metodológico que no necesita una interpretación empírica. Ello no obstante, la verdad es que la mayoría de los cladistas han tenido tendencia a justificar su principio de dicotomía en base a una interpretación de ese tipo. En tal caso, huelga decir que dicho principio se acomoda mal al modelo de especiación antes citado. De hecho, los desarrollos más recientes del cladismo incorporan ya en los cladogramas divisiones politómicas.

Frente a los fenetistas, el evolucionista no carece tampoco de argumentos. Les reprochará, ante todo, que no hayan cumplido su promesa de proporcionar un sistema de clasificación sin huella de subjetividad. Los principales pasos del proceso clasificatorio fenético no se sustraen a la intervención discrecional del taxónomo. Ello es así respecto

de los caracteres unitarios, los coeficientes de similitud, las técnicas de análisis cluster, pero también por lo que se refiere a las UTOs, una aplicación rigurosa (esto es, no evaluativa) del método de los fenetistas a propósito de las cuales tendría consecuencias tan pintorescas como, por ejemplo, la de asignar a especies distintas machos y hembras pertenecientes a una misma comunidad reproductiva. Por lo demás, los evolucionistas pueden negar la validez de un método que implica una medida única de similitud (por la pérdida de información que supone) o subrayar el hecho de que la propia equiponderación de los caracteres representa ya una ponderación *a priori*. En cualquier caso, los fenetistas no han conseguido desarrollar un método universalmente aceptado que permita decidir qué clasificación es *la* mejor. Consecuencia de ello es que la inestabilidad de las clasificaciones no ha desaparecido.

La conclusión que se impone a tenor de las consideraciones procedentes no puede ser otra que ésta: la taxonomía evolutiva no está en clara desventaja frente a las escuelas taxonómicas rivales. Si bien es cierto que sus métodos carecen del aspecto operacional y formalístico que poseen los métodos de estas últimas, no por ello deja de tener unos cánones articulados —como ponen de manifiesto los textos clásicos de Simpson (1961) y Mayr (1969)— sobre los cuales el grado de consenso entre los miembros de la comunidad de taxónomos evolutivos es mayor de lo que pudiere pensarse. Parece lógico, pues, estimar que la taxonomía evolutiva, la taxonomía cladística y la taxonomía fenética alcanzan una cota semejante de *objetividad sistemática* y que una elección entre ellas (si procede) no podrá hacerse sobre la base de un análisis meramente metodológico, sino a partir del examen de las críticas a las matrices conceptuales.

## Críticas conceptuales

Las críticas más acerbas que, al respecto, se han dirigido al fenetismo y al cladismo provienen de Mayr. Para comprenderlas en todo su alcance, debemos examinar antes las que, a mi entender, son las dos tesis fundamentales de ese autor: 1) la clasificación de los seres vivos no se puede comparar a la de los objetos inanimados; 2) la naturalidad de un taxón depende de su homogeneidad genética.

Contrariamente a lo que pudiera a primera vista parecer, 1) no supone la adopción, por parte de Mayr, de una postura vitalista, sino el reconocimiento de que los grupos de organismos poseen una unidad gracias a que tienen en común un programa genético, fruto de la evolución, y de que la clasificación biológica se basa, precisamente, en la consideración de ese programa, causa de las características compartidas para la que no hay equivalente entre los seres inanimados. Consecuencia de esta tesis es que no cabe hablar de divorcio entre clasificación y teoría (de la evolución).

2) no es independiente de 1). Si la clasificación de los organismos se hace *desde* la teoría de la evolución y esta teoría justifica la existencia misma de los grupos sobre la base del programa genético común, no parece descabellado inferir que tales grupos serán tanto más naturales cuanto mayor sea el grado de homogeneidad genética que presenten.

Pues bien, 1) es incompatible con el empirismo y el nominalismo operacionalista de los fenetistas; 2) es incompatible con el genealogismo de los cladistas.

El empirismo radical de los fenetistas representa, en opinión de Mayr, la negación misma de lo que ha de ser la base filosófica de toda clasificación *biológica*. Ello se ve de un modo particularmente claro en el rechazo de la ponderación de los caracteres, rechazo que implica dejar de

lado un gran número de hechos evolutivos cuya consideración obviaría el peligro de establecer taxones sin significado, esto es, no naturales. La abstinencia teórica del empirismo, por lo demás, es especialmente censurable para Mayr porque está a la base de la postura nominalista que los fenetistas adoptan (siguiendo con ello una vinculación histórica). Esa postura se advierte particularmente en el enfoque operacional que tales taxónomos dan a su sistema de clasificación. Para Mayr es claro que los taxones no son el resultado de las operaciones arbitrarias del taxónomo, sino realidades de las que éste quiere dejar constancia.

¿Qué valor tienen las críticas que Mayr dirige al fenetismo? No cabe la menor duda de que el empirismo radical del que hacen gala los fenetistas está en la actualidad absolutamente desfasado. Gracias a autores como Hanson (1958), Feyerabend (1962) y Kuhn (1962) es un lugar común de la filosofía de la ciencia de hoy la tesis de que toda observación está cargada de teoría. Queda ya lejos la época en que se pensaba en la posibilidad de que las teorías científicas fuesen sustituidas por conjuntos de enunciados observacionales. No parece, sin embargo, que los fenetistas se hayan enterado de ello. Esos taxónomos, por otra parte, no dudan en considerar la clasificación como una rama de la sistemática, pero al propio tiempo le privan de la naturaleza explicativa, esto es, teórica que reconocen en ésta. Se aferran a la idea de que, en palabras de Ruse (1973, pag. 197), "una clasificación es una división basada en un conjunto de reglas y, por ello, no es ni verdadera ni falsa (como lo es una teoría)." Aunque es verdad que una clasificación es una división basada en reglas, con eso no se expresa, sin embargo, toda la verdad. Se confunde aquí una condición necesaria con una condición suficiente. En cualquier caso, se ignora por completo la cuestión de fondo, a saber: la clasificación de los organismos no es equiparable a la de los objetos inanimados.

Por lo que al cladismo se refiere, el ignorar la afinidad patristica, apunta Mayr, comporta el peligro de reconocer taxones genéticamente heterogéneos, esto es, no naturales. Así, la aplicación del principio de holofilia lleva a la formación de grupos tan incongruentes como, por ejemplo, el que reúne cocodrilos y aves. Al establecer de este modo mecánico los taxones y sus rangos (cocodrilos y aves son grupos hermanos y pertenecen, por ende, a la misma categoría, a pesar de que las aves han divergido ampliamente de los cocodrilos desde que ambos grupos se separaron de su antepasado común), los cladistas revelan, concluye Mayr, el fuerte componente tipológico que su método encierra, el cual se ve así descalificado, en buena medida, como método *biológico* de clasificación.

La verdad es que los cladistas no pueden dar una razón que no sea estrictamente formal para desechar la postura que Mayr representa. Se atienen por completo al principio de que "el contenido informativo de una clasificación es una jerarquía de taxones, nada más" (Eldredge y Cracraft, 1980, pag. 171). Toda información, pues, que no se ajuste a la estructura del sistema linneano es, para los cladistas, una información "adicional" de la que se puede prescindir. Puesto que únicamente la información genealógica encaja en dicha estructura, sólo ella cuenta. Los cladistas subordinan, de esta manera, la información al sistema; los evolucionistas, con un sentido mucho más biológico, hacen lo contrario.

Por lo demás, no parece sostenible la opinión de Gasc (1979), a tenor de lo que ya sabemos del cladismo, de que éste no encierra ninguna teoría explicativa. La afirmación no es verdadera respecto del cladismo "transformado", pero ello, en cualquier caso, redundaría en detrimento de sus defensores, ya que la aversión a la teoría conlleva el hundimiento de las defensas frente al tipo de críticas dirigidas a los fenetistas por mor de su empirismo (vid. Charig, 1981). Por otra parte, los cladistas se han arrogado el privilegio de que el suyo es el único sistema de clasificación



que merece el calificativo de científico, puesto que sólo él satisface el principio de refutabilidad de Popper. Se trata, evidentemente, de una arrogación precipitada. Desde el momento en que las clasificaciones evolutivas incluyen más información que las cladísticas son más "atrevidas" que estas últimas y, por consiguiente, preferibles desde la perspectiva popperiana. Se podrá objetar que sólo cabe hablar de refutabilidad si la información que se proporciona está planteada sin arbitrariedad ni subjetividad. La contrarréplica no es difícil: tampoco son éstos elementos que estén ausentes del método cladístico. La información que mediante éste se nos suministre deberá, por tanto, también resentirse de ello.

La taxonomía evolutiva no ha permanecido inmune a las influencias de las escuelas rivales. Así, Mayr no muestra reparos en admitir que la suya es una taxonomía ecléctica que aprovecha de las taxonomías fenética y cladística aquellos aspectos que no entran en conflicto con su núcleo conceptual y que suponen un avance metodológico. Eso es bueno. Sería absurdo cerrarse a cualquier mejora en el método de clasificación por mor de un erróneo espíritu de escuela. Dejada en un segundo plano la taxonomía fenética (por definición no explicativa), porque a la mayor cantidad de información que proporciona no une, en no pocos casos, un similar grado de pertinencia biológica, la cuestión queda reducida al hecho de saber cuál de las dos taxonomías restantes parece aconsejable que sea el juez *último* en las disputas en materia de clasificación. Ambas tienen significado biológico; ambas poseen un componente explicativo. La taxonomía evolutiva, sin embargo, se lleva la palma en cuanto al contenido informativo y a la capacidad de explicación. Ello, junto con un nivel no despreciable de objetividad sistémica, inclina, creo, la balanza a su favor.

## BIBLIOGRAFÍA CITADA

- ASHLOCK, P.D. (1971): *Monophyly and associated terms* en Systematic Zoology, 20, pág. 63-69.
- BRIDGMAN, P.W. (1927): *The Logic of Modern physics*. MacMillan, New York.
- CHARIG, A. (1981): *Cladistics: a different point of view* en Biologist, 28, pág. 19-20.
- ELDREDGE, N y CRACRAFT, J. (1980): *Phylogenetic Patterns and the Evolutionary Process*. Columbia University Press, New York.
- FEYERABEND, P. (1962): *Explanation, reduction and empiricism*. En FEILGL, H. y MAXWELL, G. (eds.) (1962): *Minnesota Studies in the Philosophy of Science*, vol.3. University of Minnesota Press, Minneapolis, pág. 28-97.
- GASC, J.P. (1979): *Quelques développements récents de la cladistique* en *History and Philosophy of the Life Sciences*, 1, pág. 139-151.
- HANSON, N.R. (1958): *Patterns of discovery*. Cambridge University Press, Cambridge.
- HUXLEY, J.S. (1958): *Evolutionary processes and taxonomy with special reference to grades*. en Uppsala Univ. Arssks., 1958, pág. 21-38.
- KUHN, T. (1962): *The structure of Scientific Revolutions*. University of Chicago Press, Chicago.
- MAYR, E. (1969): *Principles of Systematic Zoology*. McGraw- Hill, New York.
- MAYR, E. (1982): *The Growth of biological Thought*. Harvard University Press, Cambridge.

- RUSE, M. (1973): *The Philosophy of Biology*. Hutchinson, London.  
Se cita por la ed. española: *La filosofía de la biología*. Alianza editorial, Madrid, 1979.
- SIMPSON, C.G. (1961): *Principles of Animal Taxonomy*. Columbia University Press, New York.
- SNEATH, P.H.A. y SOKAL, R.R. (1973): *Numerical Taxonomy*. Freeman, San Francisco.